

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ

Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

Кожемяко
Евгения Николаевна

**ИДЕНТИФИКАЦИЯ И КОЛИЧЕСТВЕННАЯ ОЦЕНКА ГЕНОВ
ЦЕЛЛЮЛОЗОСИНТАЗ, ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ В КЛЕТКАХ СТЕБЛЯ
ЛЬНА**

Научный руководитель:
Кандидат биологических наук
Д.В. Галиновский

Минск, 2015

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 41 страница, 12 рисунков, 11 таблиц, 28 источников.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ ЦЕЛЛЮЛОЗОСИНТАЗ, ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ В КЛЕТКАХ СТЕБЛЯ ЛЬНА.

Объектом исследования служили два сорта льна-долгунца (Ariane, Блакіт), один сорт льна-растрескивающегося (Dehiscens), один сорт льна-масличного (Endress Olajen), различающихся по качеству льноволокна.

Цель исследования – идентификация генов целлюлозосинтаз экспрессирующихся у контрастных по качеству волокна подвидов льна, а именно: льна-долгунца (Ariane, Блакіт), льна крупносемянного (Endress Olajen) и льна растрескивающегося (Dehiscens).

В работе использовали молекулярно-генетические методы, таких как ПЦР, РВ-ПЦР, ПДРФ, агарозный и капиллярный электрофорез.

В результате работы методом ПДРФ-анализа и количественной ПЦР были проанализированы четыре гена целлюлозосинтаз льна – *LusCesA4*, *LusCesA7*, *LusCesA9* и *LusCesA1*. Установлено, что ПДРФ-метод не подходит для идентификации генов целлюлозосинтаз из-за низкой эффективности наработки класс-специфических областей *CesA*-генов.

Методом количественной ПЦР со специфическими праймерами к генам *LusCesA4*, *LusCesA7*, *LusCesA9* и *LusCesA1* была установлена экспрессия перечисленных генов у всех изученных подвидов льна. Между подвидами льна не наблюдали существенной разницы в уровне экспрессии генов *CesA1*, *CesA4*, *CesA7*. Для гена *CesA9* разных образцов льна наблюдали некоторую разбежку в значениях уровня экспрессии. Разница между минимальным уровнем экспрессии у льна растрескивающегося (Dehiscens) и максимальным значением у льна-долгунца (сорт Блакіт) составляла 8,3 раза. Было установлено, что во всех изученных образцах экспрессия генов целлюлозосинтаз уменьшается в ряду *LusCesA4*, *LusCesA7*, *LusCesA9*, *LusCesA1*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 41 старонка, 12 малюнкаў, 11 табліц, 28 крыніц.

ІДЭНТЫФІКАЦЫЯ ГЕНАЎ ЦЭЛЛЮЛОЗОСИНТАЗ,
ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ Ў КЛЕТЦЫ СЦЕБЛІН ЛЬНУ.

Аб'ектам даследавання служылых два гатункі льна-даўгунца (Арыян, Блакіт), адзін гатунак льна- рэпаецца (Dehiscens), адзін гатунак льна маслічнага- (Endress Olajen), якія адрозніваюцца па якасці ільновалакна.

Мэта даследавання - ідэнтыфікацыя генаў целлюлозосинтаз экспрессирующихся ў кантрасных па якасці валакна падвідаў льну, а менавіта: льну долгунца- (Ariane, Блакіт), льну крупносемяннага (Endress Olajen) і льну рэпаецца (Dehiscens).

У працы выкарыстоўвалі малекулярна-генетычныя метады, такія як ПЦР, РВ-ПЦР, ПДРФ, агарозны і Капілярны электрофарэз.

Метадам колькаснай ПЦР са спецыфічнымі праймер да генам LusCesA4, LusCesA7, LusCesA9 і LusCesA1 была ўсталяваная экспрэсія пералічаных генаў ва ўсіх вывучаных падвідаў льну. Паміж падвідамі льну не назіралі істотнай розніцы ва ўзроўні экспрэсіі генаў Cesa1, Cesa4, Cesa7. Для гена Cesa9 розных узораў льну назіралі некаторую разбежку ў значэннях ўзроўню экспрэсіі. Розніца паміж мінімальным узроўнем экспрэсіі у льну рэпаецца (Dehiscens) і максімальным значэннем у льну долгунца- (гатунак Блакіт) складала 8,3 разы. Было ўстаноўлена, што ва ўсіх вывучаных узорах экспрэсія генаў целлюлозосинтаз памяншаецца ў шэрагу LusCesA4, LusCesA7, LusCesA9, LusCesA1.

ABSTRACT

Coursework 41 pages, 12 figures, 11 tables, 28 of the sources.

IDENTIFICATION OF GENES CELLYULOZ SYNTHASE, EXPRESSED IN THE STEM CELL FLAX.

The object of study servitors two varieties of flax (Ariane, Azure), one kind of fiber flax friable (Dehiscens), one kind of oilseed flax (Endress Olajen), differing in quality flax.

The purpose of research - the identification of genes expressed in tsellyulozosintaz contrasting quality fiber flax subspecies, namely, flax (Ariane, Azure), big seeds and flax (Endress Olajen) flax and friable (Dehiscens).

We used molecular genetic techniques, such as PCR, RT-PCR RVs, RFLP, agarose and capillary electrophoresis.

As a result of the method PDRF- analysis and quantitative PCR were analyzed four genes tsellyulozosintaz flax - LusCesA4, LusCesA7, LusCesA9 and LusCesA1. It was found that the RFLP method is not suitable for identifying genes tsellyulozosintaz because of the low efficiency of class-specific achievements CesA-region genes.

By quantitative PCR with specific primers for genes LusCesA4, LusCesA7, LusCesA9 and LusCesA1 was established express transfer of genes in all studied flax subspecies. Between subspecies flax there was no significant difference in the level of gene expression SesA1, SesA4, SesA7. For gene CesA9 different Obratzsova linen watched a d values. Extension expression levels. The difference between the lowest level of expression in flax friable (Dehiscens) and the maximum value in flax (variety Azure) was 8.3 times. It was found that in all the samples studied gene expression tsellyulozosintaz decreases in the series LusCesA4, LusCesA7, LusCesA9, LusCesA1.